

Title	一酸化炭素資化菌と水圏ウイルスの分子生物学的研究
Author(s)	吉田, 天士
Citation	京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 (2020), 2019: 53-53
Issue Date	2020-03
URL	http://hdl.handle.net/2433/251133
Right	
Type	Article
Textversion	publisher

一酸化炭素資化菌と水圏ウイルスの分子生物学的研究
Molecular biology of carboxydrotrophs and aquatic viruses

京都大学 農学研究科 応用生物科学専攻

吉田 天士

研究成果概要

水素 (H_2) 生成一酸化炭素 (CO) 資化菌は、環境で有毒な CO を除去し H_2 に変換することから生態学的重要性が指摘される。しかし、記載された H_2 生成 CO 資化菌は陸上温泉を中心に 20 種と限られ、その多様性・分布といった生態に関する知見が乏しい。そこで我々は、一般的な菌叢解析において参照可能な H_2 生成 CO 資化菌のデータベースを構築した。まず、公開データベースに登録されている約 14 万の原核生物ゲノムより、 H_2 生成 CO 資化菌が有するマーカー遺伝子群の保有株を同定し、全原核生物の 16S rRNA 系統における潜在的な H_2 生成 CO 資化菌の分布を明らかにし、本菌が属する分類群を 4 門 26 属 43 種まで拡充した。さらに、本データベースを用いることで、100 の堆積物試料を用いた 16S rRNA アンプリコン解析から、環境における潜在的な H_2 生成 CO 資化菌の分布を解明した。その結果、54 地点で潜在的な H_2 生成 CO 資化菌が 13 種見いだされ、幅広い泉源に分布することを示した。

有毒アオコ原因ラン藻ミクロキスティスは環境中で多様なウイルスとの相互作用が示唆されるが、本種感染ウイルス分離例は当研究室保有の Ma-LMM01 に限られていた。そこで、京都府広沢池にてウイルスメタゲノム解析を行い、24 時間に渡って本種とウイルスの包括的転写解析を行った。その結果、大きく 3 つのグループから成る 15 の新規の本種感染ウイルスゲノムを明らかにした。さらに環境中では Ma-LMM01 のような非常に限られた宿主株にのみ感染可能な狭域宿主ウイルスと、様々な宿主株に感染可能な広域宿主ウイルスが共存することを見出した。包括的転写解析より、ミクロキスティスは特に広域宿主ウイルスによる感染に応じてウイルス耐性遺伝子を発現させることが示唆された。本成果をまとめた論文は米国微生物学会が発刊する *Appl. Environ. Microbiol.* の表紙を飾った。

発表論文(謝辞あり)

Diversity and distribution of thermophilic hydrogenogenic carboxydrotrophs revealed by microbial community analysis in sediments from multiple hydrothermal environments in Japan. (2019) *Arch. Microbiol.* **201**, 969–982.

他 2 報

発表論文(謝辞なし)

Co-occurrence of broad and narrow host-range viruses infecting the toxic bloom-forming cyanobacterium *Microcystis aeruginosa*. (2019) *Appl. Environ. Microbiol.* **85**, e01170-19.

他 2 報